
分子植物卓越中心等解析普通小麦亚基因组非对称调控机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12680.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

近期，中国科学院分子植物科学卓越创新中心和中科院遗传与发育生物学研究所合作在The Plant Cell上，在线发表题为An atlas of wheat epigenetic regulatory elements reveals subgenome-divergence in the regulation of development and stress responses的文章，揭示普通小麦亚基因组非对称调控的分子机制，并同期发表编辑评论文章。

广泛种植的普通小麦（Triticum aestivum， $2n=6x=42$ ，AABBDD）基因组庞大（16 Gb）而复杂，由3个二倍体祖先草杂交加倍形成，包含3组相似的亚基因组。适应不同环境的二倍体基因组融合显著提升了六倍体小麦的环境适应性。与其祖先种相比，普通小麦具有明显的多倍化优势，如植株更高大、种子更饱满、具有更强的抗逆性。已有研究揭示了普通小麦3套基因组的差异基因及差异表达模式，然而目前，学界尚不清楚亚基因组表达的时空调控特异性调控机制，庞大而复杂的基因组不利于深入开展机制研究。

该研究中，研究人员利用定量表观基因组分析方法，整合不同发育阶段与环境处理的表观组和转录组数据，鉴定到普通小麦中的上万个基因远端调控DNA元件，并将其与靶基因关联。该研究进一步揭示了表观调控元件在亚基因组间差异的表观结构，该差异决定了靶基因组织特异性表达的差异。调控元件亚基因组差异表观结构的动态变化受到甲基化酶复合体PcG和去甲基化酶REF6的协同调控。在应对环境刺激过程中，调控元件表观修饰的变化与靶基因的表达变化密切相关。以此为基础，该研究预测了胁迫响应因子并进行实验验证，进一步揭示了响应因子在亚基因组间的差异结合与亚基因组间调控元件的密度差异及表观遗传修饰的定量差异协同互作。

综上，该研究揭示了亚基因组非对称调控的分子机制及其在组织发育和逆境响应过程中的特异性作用，为从遗传和表观遗传互作角度解析普通小麦高度可塑性与广泛环境适应性提供了新线索。

分子植物卓越中心研究员张一婧和遗传发育所研究员薛勇彪为论文的共同通讯作者，分子植物卓越中心博士生王梅月、张郁芸和博士李子娟、遗传发育所副研究员张玉娥为论文的共同第一作者，南京农业大学教授张文利和遗传发育所研究员童依平合作参与了该研究。研究工作得到国家自然科学基金创新研究群体项目、中科院战略性先导科技专项的支持。The Plant Cell邀请密歇根州立大学教授Sunil Kumar Kenchanmane Raju发表题为Epigenomic atlas in wheat reveals regulatory elements specifying sub-genome divergence的评论文章。

[论文链接](#)、[评论文章链接](#)

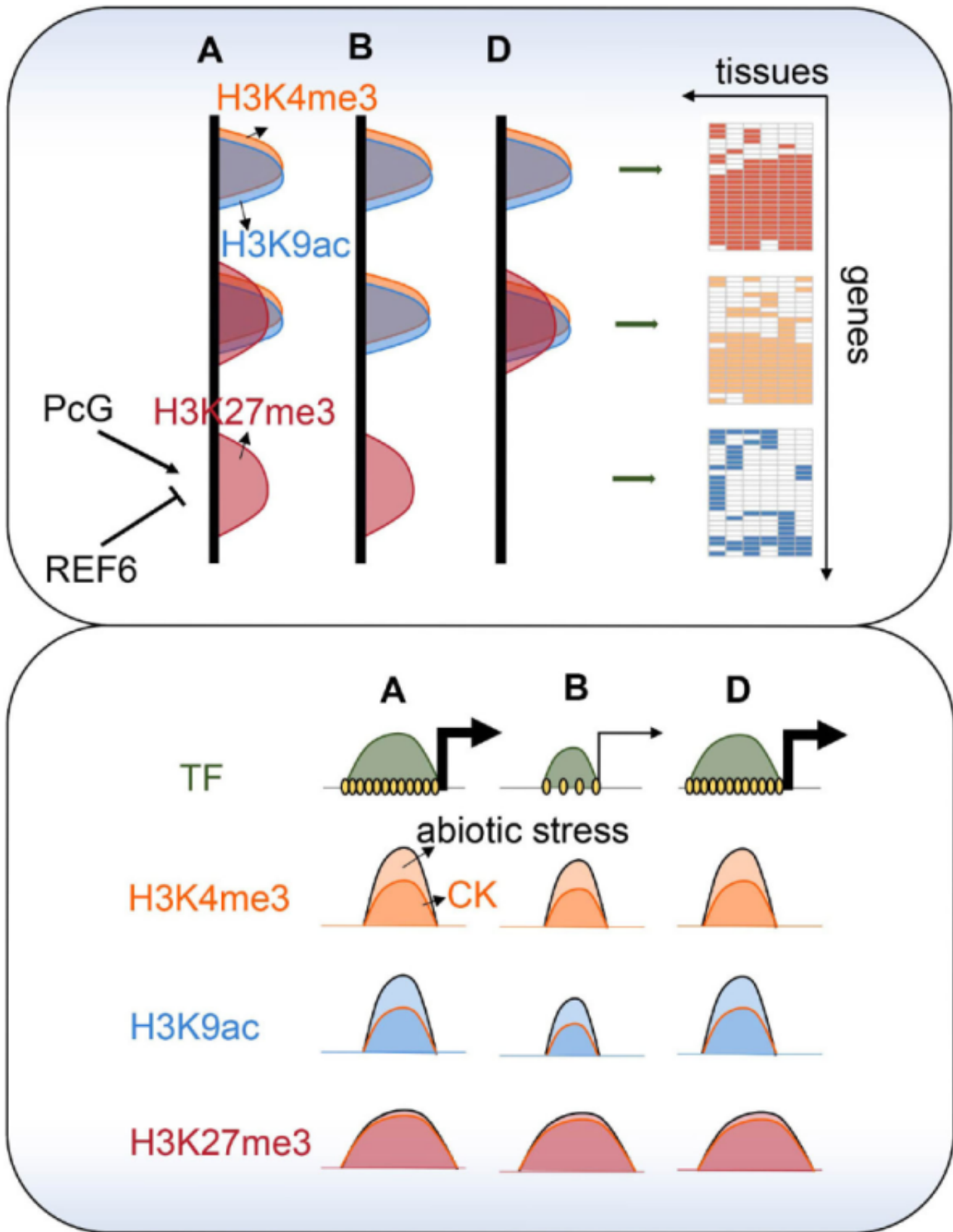


图1.主要发现小结。上图：在发育过程中，PcG复合体和REF6去甲基化酶协同调控H3K27me3动态变化导致调控元件在亚基因组间的活性差异，进而决定组织特异性；下图：在应激反应过程中，调控元件的密度，转录因子结合及表观修饰协同作用决定亚基因组的差异响应

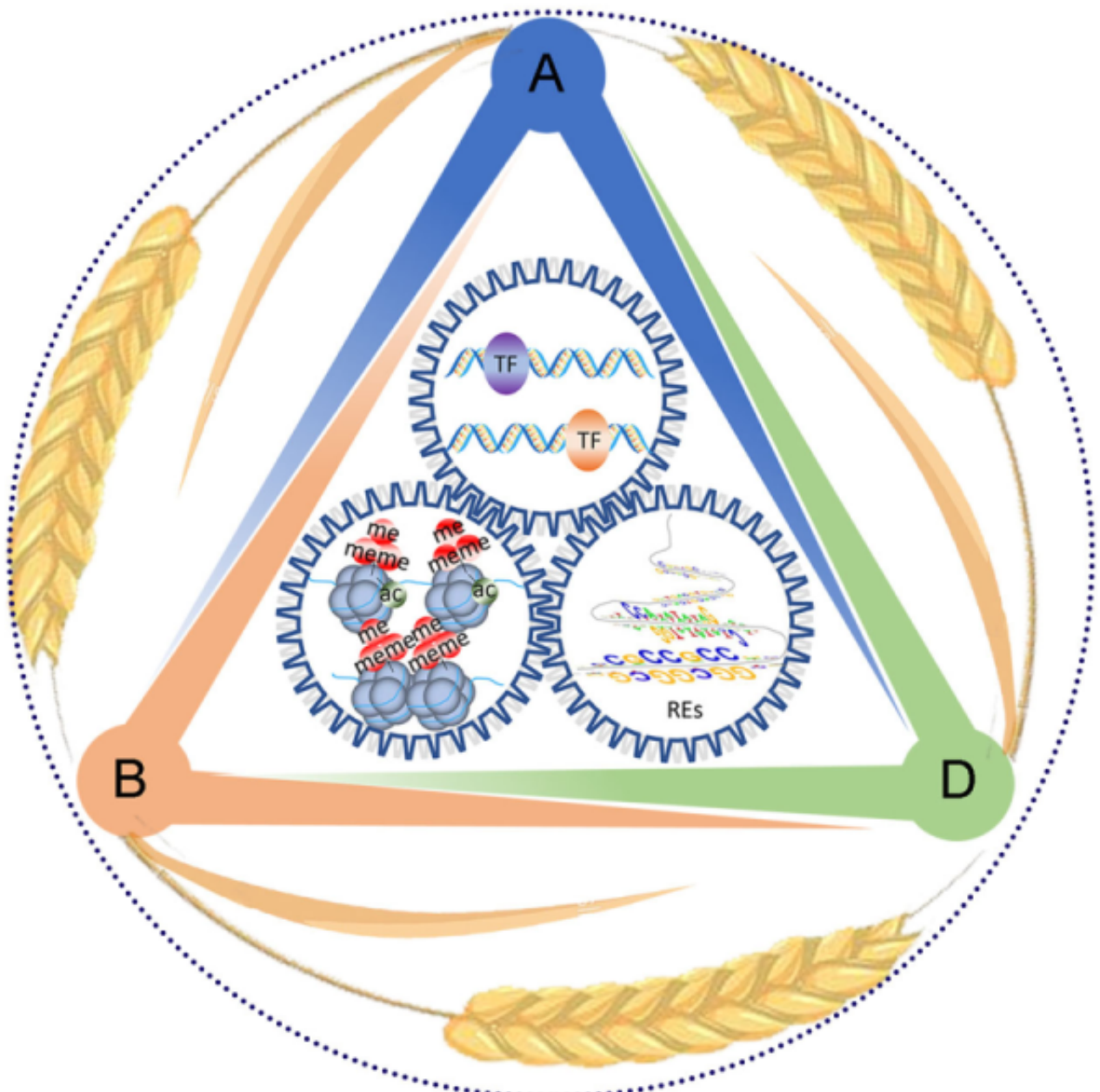


图2.模型图刻画DNA调控元件，表观因子与转录因子协同调控普通小麦亚基因组非对称表达模式

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发